

Wed May 7 14:14:35 2003

us-10-027-000-2.rapb

Page 1

GenCore version 5.1.4-p5.4578
Copyright (c) 1993 - 2003 Compugen Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on: April 26, 2003, 13:02:01 ; Search time 23 Seconds
(without alignments)
2902.092 Million cell updates/sec

Title: US-10-027-000-2

Perfect score: 4391
Sequence: 1 MADIVKALIKLTLAEKVD.....DGVLRKFTVGETYMWSCV 833

Scoring table: BLOSUM62
Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched: 301932 seqs, 80129803 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 301932

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database: Published Applications AA:

1: /cgn2_6/ptodata/1/pubppa/US08_NEW_PUB pep.*
2: /cgn2_6/ptodata/1/pubppa/US06_NEW_PUB pep.*
3: /cgn2_6/ptodata/1/pubppa/US06_PUBCOMB pep.*
4: /cgn2_6/ptodata/1/pubppa/US07_NEW_PUB pep.*
5: /cgn2_6/ptodata/1/pubppa/US07_PUBCOMB pep.*
6: /cgn2_6/ptodata/1/pubppa/US07_PUBCOMB pep.*
7: /cgn2_6/ptodata/1/pubppa/US08_PUBCOMB pep.*
8: /cgn2_6/ptodata/1/pubppa/US08_PUBCOMB pep.*
9: /cgn2_6/ptodata/1/pubppa/US09_PUBCOMB pep.*
10: /cgn2_6/ptodata/1/pubppa/US10_NEW_PUB pep.*
11: /cgn2_6/ptodata/1/pubppa/US10_PUBCOMB pep.*
12: /cgn2_6/ptodata/1/pubppa/US10_PUBCOMB pep.*
13: /cgn2_6/ptodata/1/pubppa/US60_NEW_PUB pep.*
14: /cgn2_6/ptodata/1/pubppa/US60_PUBCOMB pep.*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	953	21.7	721	9 US-10-121-032-19	Sequence 19, Appl
2	951.5	21.7	3782	9 US-09-860-846-4	Sequence 4, Appl
3	951.5	21.7	3782	9 US-09-988-384B-4	Sequence 4, Appl
4	951.5	21.7	3782	9 US-09-861-289-4	Sequence 4, Appl
5	944.5	21.5	809	9 US-09-860-846-24	Sequence 24, Appl
6	944.5	21.5	809	9 US-09-988-384B-24	Sequence 24, Appl
7	944.5	21.5	809	9 US-09-861-289-24	Sequence 24, Appl
8	165	3.8	171	10 US-09-734-569-34	Sequence 34, Appl
9	151.5	3.5	548	9 US-09-738-626-3855	Sequence 3855, Ap
10	128	2.9	1434	9 US-10-080-505-9	Sequence 9, Appl
11	126.5	2.8	395	9 US-10-080-505-9	Sequence 9, Appl
12	121.5	2.8	2609	9 US-09-738-626-6644	Sequence 6644, Ap
13	121.5	2.8	2353	10 US-10-043-487-383	Sequence 383, Appl
14	118.5	2.7	599	9 US-09-869-877-6	Sequence 6, Appl
15	118.5	2.7	599	10 US-09-732-350-6	Sequence 6, Appl
16	115	2.6	1938	9 US-10-014-436-2	Sequence 2, Appl
17	113.5	2.6	833	9 US-10-014-436-3	Sequence 3, Appl
18	113.5	2.6	1436	9 US-10-080-505-13	Sequence 13, Appl
19	113	2.6	1300	10 US-09-815-242-4903	Sequence 4903, Ap

20	113	2.6	1300	10 US-09-815-242-10906	Sequence 10906, A
21	112	2.6	962	10 US-09-205-658-310	Sequence 310, App
22	111.5	2.5	1394	9 US-09-839-996-2	Sequence 2, Appl
23	111.5	2.5	1394	9 US-10-080-505-2	Sequence 2, Appl
24	111.5	2.5	1395	9 US-10-080-505-7	Sequence 7, Appl
25	110	2.5	1981	9 US-09-928-457-38	Sequence 38, Appl
26	107.5	2.4	521	10 US-09-894-993-4	Sequence 19, Appl
27	106.5	2.4	553	9 US-09-881-353-19	Sequence 17, Appl
28	106	2.4	639	9 US-10-267-311-17	Sequence 17, Appl
29	106	2.4	2039	9 US-10-192-584-7	Sequence 11997, A
30	105	2.4	1357	10 US-09-815-242-11997	Sequence 5, Appl
31	104.5	2.4	943	10 US-09-969-362-5	Sequence 6, Appl
32	103.5	2.4	540	10 US-09-894-993-6	Sequence 29, Appl
33	103	2.3	648	9 US-10-267-311-29	Sequence 2, Appl
34	103	2.3	1183	9 US-09-870-759-45	Sequence 45, Appl
35	103	2.3	1342	10 US-09-815-242-10438	Sequence 10438, A
36	102	2.3	956	9 US-09-262-126C-2	Sequence 2, Appl
37	102	2.3	956	9 US-10-245-803-2	Sequence 2, Appl
38	101	2.3	690	9 US-10-068-059-10	Sequence 3548, Ap
39	100.5	2.3	474	9 US-09-738-626-3548	Sequence 12048, A
40	100	2.3	645	10 US-09-815-242-12048	Sequence 2, Appl
41	100	2.3	1620	10 US-09-827-949-2	Sequence 8, Appl
42	99.5	2.3	709	9 US-10-068-059-8	Sequence 5179, Ap
43	99.5	2.3	1399	10 US-09-815-242-5179	Sequence 38, Appl
44	99.5	2.3	1812	10 US-09-775-938A-38	Sequence 2, Appl
45	99	2.3	915	10 US-09-833-435A-2	Sequence 2, Appl

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-10-121-032-19
Sequence 19, Application US/10121032
Patent No. US2002015550A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Blylma, Edward J.
TITLE OF INVENTION: GLYCOSIDASE ENZYMES
NUMBER OF SEQUENCES: 72
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSSEE: Gray Cary Ware & Freidenrich LLP
STREET: 4365 Executive Drive, Suite 1600
CITY: San Diego
STATE: CA
COUNTRY: USA
ZIP: 92121
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Diskette
COMPUTER: IBM Compatible
OPERATING SYSTEM: Windows95
SOFTWARE: FASTSEQ for Windows Version 2.0
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/10/121.032
FILING DATE: 09-APR-2002
CLASSIFICATION: <Unknown>
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/09/134.078
FILING DATE: 13-AUG-1998
APPLICATION NUMBER: 08/949.026
FILING DATE: 10-OCT-1997
APPLICATION NUMBER: 60/056.916
FILING DATE: 06-DEC-1996
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Hallie, Lisa A.
REGISTRATION NUMBER: 38,347
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 09010/024002
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 858/677-1456
TELEFAX: 858/677-1465
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 19:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 721 amino acids
TYPE: amino acid

TOPOLOGY: linear
 MOLECULE TYPE: protein
 FRAGMENT TYPE: internal
 SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 19:
 us-10-121-032-19

Query Match 21.7%; Score 953; DB 9; Length 721;
 Best Local Similarity 30.3%; Pred. No. 4.5e-69;
 Matches 261; Conservative 127; Mismatches 286; Indels 186; Gaps 25;

```

QY 6 VEAIIKLTLAEKVDLLAGIDF-----MHTKALPKHGVPISLRTDGGNGV 50
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 4 IDELISQLTEKVKLVVGVGLPGLFGRPHSRVAGACSETHPRLGPAVLADGAGL 63
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 51 R-----GTRFNGVPAACPGCGTSLGSTEPTQTLLEBAGKMGKEAIAKSAHYILGPTIMQ 106
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 64 RANPTRENDENTYTTAPVEIMLASITWRDLLEEVKAKMGEEVREYGVLLAPANNIH 123
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 107 RSLPLGRGFESIGEDPPLAGLAALIRIGISTGVQATIKHFLCNDQEDRRAMVQSLVTE 166
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 124 RPLPLGRNFEEYSEDVPLSGENASAFKVGQSGVAGACIKHFNANNQETNRMVVDIVSE 183
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 167 RALREIYALPFOIAVRDSQGFAMTAUNGINGVSCSENPXYLQMLRKEMGMGLIMSDW 226
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 184 RALREIYALKGEIAYKARPMVTMSAVYKMLNGKCSQNMELKLVLEEGFGGFVMSDW 243
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 227 YGTSTTAVVAGLDLEHPRP-----RFGETLKFVNSNGKPTIIVIDORAREVLOF 279
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 244 YAGDVPVQLKAGNDMTPKRAYONTERRDEIEIMEALKEGLSEEVIDECEVRNLK 302
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 280 VKKCAASGVTENGPE---TIVNNTPE---AALLRKVNGEIVLKKNNVLLSKKKKI 333
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 303 -----VLVNPASFGRYSKSNRPDLSENAEVAYEPGACGVLLER-NGVLPEDENTHY 353
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 334 LIVGNAQATYVHGGGSAALRAYAYVPEGLSKOLETPPSYTVGAYTVPIIGBOCLT 393
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 354 AVFGQIETIKGSGSDTHPRYTIISILEGIKE----- 387
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 394 PDGAPGMRFYENPFGTIPNROHIDELFTKTMHLVDYHPRKADTWYADMEGTYYADE 453
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 388 -----RNKMFDEELASTYEYIKK-----MRETEYKPR-TDSW----- 420
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 454 DCTYELGLVCGTAKAYVDQLVVNAATKQVPGDAFFGSATREETRINILVGNTRYKFKI 513
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 421 -----GTVI-----KPKLPENFLSEKRIKPRKKNDAVAVV-----ISRISGEYDKR- 463
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 514 EFGSAPYTLTKDGTIVPGHSLVNGCGKVIDDAEIEKSYALAKE-HDQVITICAGLINADW 572
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 464 -----PVKGDFTYS-----DDELELIKTV--SKEFHDO----- 489
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 573 ETGAGDRASMKLPGVLDQLIADVAANPNTVVVMOGTGPEEM-PMULATPAVIOAMYGSN 631
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 490 -----GKKVYVILNIGSIEVAWSMDYDGLILVWQAGQ 523
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 632 ETGNSIADVVDYDYNPSGKLSLSPKRLQDNPAFL---NFKTEAGRTLYGEDVYGYRY 688
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 524 EMGIYADVADVIGKINPSGKLPFTFPKDYSDVPSWTPPGEPKQNPQRYVEEDIIYGYRY 583
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 689 EFADKDVNPFPGHGLSTTPFAFSLNSHDKLSLSVKTATGSPVQAQVLAQLVYKPLQ 748
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 584 DTGCVPAEYFEGYGLSYTFEYKDKLTAIDGETLRYSTIITNTGDRAKESVQVYIK-AP 642
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 749 AAKINRPEKLGKFAVE--LQPGETKAVTIEQEKVYAAFPDEEDQMCVEKDEGVAYS 807
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 643 KGIKDPFOELKAFHKTILNPGESESEIELPLINDIASFGKE---WVESGETEYAVNG 699
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 808 DSSAANDGVALRGKTVY-GE 826
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 700 ASSR---DIRLDIFLVEGE 716
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

RESULT 2
 US-09-860-846-4

Sequence 4, Application us/09860846
 Patent No. US20020164742A1
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Sherman, D.H.
 APPLICANT: Liu, H.
 APPLICANT: Xue, Y.
 APPLICANT: Zhao, L.
 TITLE OF INVENTION: DNA encoding methymycin and pikromycin
 FILE REFERENCE: 600,438US1
 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/860,846
 PRIOR FILING DATE: 2001-05-18
 PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/105,537
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 43
 SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 3.0
 SEQ ID NO 4
 LENGTH: 3782
 TYPE: PRT
 ORGANISM: Streptomyces venezuelae
 US-09-860-846-4

Query Match 21.7%; Score 951.5; DB 9; Length 3782;
 Best Local Similarity 31.4%; Pred. No. 7.3e-68;
 Matches 275; Conservative 123; Mismatches 340; Indels 137; Gaps 25;

```

QY 9 ILKLTLEAEKYDILLAGIDF-----HTKALPKHGVPISLRTDGGNGVGTGTFNG 58
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1121 LVAQMTDEKISFY-----HNAIDPDRONVYLRGVPLGIPLELAADGPYGRN----LVG 1172
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 59 VPACFPCCGTSLSGTEPTQTLLEBAGKMGKEAIAKSAHYILGPTIMQSRPLGRGFESI 118
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1173 QTAALPAPVVALASTFPDTPMADSYKVGWGRDGRALNODHVLGPMNNIRVPHGRNRYET 1232
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 119 GEDPFLAGLAALIRIGISTGVQATIKHFLCNDQEDRRAMVQSLYTEALREIYALPQ 178
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1233 SEDPLVSRRVAVQIKIQAGLMTTAKHPAANNQENRNVANVDEQTLREIEPAP 1292
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 179 IAVDSQGA--EMTAUNGINGVSCSENPXYLQMLRKEMGMGLIMQYTSSTEAV 236
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1293 AS---SKAGAASFCAVANGNGKRCGNDLNNVLRTOGFGQVWMSDLAT-PTDIAI 1348
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 237 VAGLDLE-----RGP--RFGETLKFVNSNGK-PIIVIDORAREVLOFVKK 282
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1349 TKGIQDMQYELPDGVNPKGSPPAKFFGEALKTAVLNGTVEPAVTRSAERIVQOMKEF 1408
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 283 CAASGVTENGPEPTVNTPEALALRKVNGEIVLKKNNVLLPS--KKKTLIVGPA 340
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1409 GILLATPAPRPE---HDKAGAQAVSKVAENGAIVLLRNCGALLPLAGDAGSIAVIGFTA 1465
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 341 KQATYHGGGSAALRAYAYVPEGLSKOLETPPSYTVGAYTVPIIGBOCLTPDGAPGM 400
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1466 VDRKYTGIGSAHVVPDSPAAPLDTIKAR-----ACAGATVYETGEL:RGQIPAGN 1517
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 401 RMRFYENPFGTIPNROHIDELFTKTMHLVDYHPRKADTWYADMEGTYYADECTYELG 460
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1518 LSAFNFQ-----HOLE---PCKAGALV---DGLTYLPAGEEYRIA 1552
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 461 LVVCGTAKAYVDQLVVNAATKQVPGDAFFGSATREETRINILVGNTRYKRIEFGSAPT 520
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1553 VRATG---GVAIVQL---GSHITIEAGVYKVS---SPILKLTGK-THKI----- 1592
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 521 YTLKGTIYVPGHSLVNGCGKVIDDAEIEKSYALAKEHDQVITICAGLINADMETEGADRA 580
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1593 -TISGFAMSATPLSELGVTTPAADAATIAKAVESARRARAPVAVFA---YDQJEGVDRP 1648
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 581 SMKLPGLVDQLIADVAANPNTVVVMOGTGPEEMPMULATPAVIOAMYGSNETNSIADV 640
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1649 NLSLPGTQOKLISAVADANPNTIIVLNTGSSVLMFMSKTRAVLDMMYPCGAGAEATAAL 1708
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 641 VEGDYNPSGKLSLSPKRLQDNPAFLNFTREAG-----RTLYGEDVYGYRYEEF 690
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1709 LVGDVNPSSKLTQSF-----PAAENQHAVAQDPTSPGVNDNOGTREGIHHVGTBRFEDK 1761
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

```

Qy 691 ADKDVNPFPGHGLSTTTAFENLSVSH-KDCKLSVLSYKNTKTVSGVAGVAVOLYVKPLQA 749
Db 1762 ENVRKPLFPFGHGLSTSTFQSAPIVVRTSTGGLKVTYTVRNSGRAGQEVQVAYLIGASPN 1821
Qy 750 AKINPFVELGFAVEIQLQPGETRAVLEIEQEK-----VYAAVFE 790
Db 1822 VTAPOAKKKLVGYTPTVSLALAGEAKVTYTVNDRQLOTQSSADLRGSATVVMMSRAET 1881
Qy 791 ERDQNCVEKGDYEIVIVSDSSAAKDGVALRKFYVG 825
Db 1882 PRVPFLDLKAAYEELRAETDAIARVLDSDGRYLLG 1916

RESULT 3
US-09-988-384B-4
; Sequence 4, Application US/09988384B
; Publication No. US2003007382A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Sherman, D. H.
APPLICANT: Liu, H.
APPLICANT: Xue, Y.
APPLICANT: Zhao, L.
FILE OF INVENTION: DNA encoding methymycin and pikromycin
FILE REFERENCE: 600.536US1
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/988,384B
CURRENT FILING DATE: 2001-11-19
PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US99/14398
PRIOR FILING DATE: 1999-06-25
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/105,537
PRIOR FILING DATE: 1998-06-26
NUMBER OF SEQ ID NOS: 53
SEQ ID NO 4
LENGTH: 3782
TYPE: PR1
ORGANISM: Streptomyces venezuelae
US-09-988-384B-4

Query Match 21.7%; Score 951.5; DB 9; Length 3782;
Best Local Similarity 31.4%; Pred. No. 7.3e-68;
Matches 275; Conservative 123; Mismatches 340; Indels 137; Gaps 25.

Qy 9 ILKRLTAEKRVLDLAGIDFW-----HTALPKRHGVPSLRFTDGPBGVGTFFNG 58
Db 1121 LVAQMTLDKERTSEV---HMALDPDRONGYLGVPRLGPIELRADGPGIR---LVG 1172
Qy 59 VPAACFPCGGSISTENQTLLEAGKMGKEALAKSAHVILGTTINMORSPLGGRGFEST 118
Db 1173 QTAALDAPVALSTFDDTMAADSYGKMGDGRALNDWLGFMNNIRVPHGRNVEFT 1232
Qy 119 GEDPFLAGLGAALIRIGISTGVOATIKHFLCNDQEDRRMVOISYTERLRETIYALPQ 178
Db 1233 SEDPLVSSRAVAADIKIGICAGIMTTAKHPAANNOENRPSVANANDEQTLREIEPPE 1292
Qy 179 IAYVDSQPGA--EMTAVNGINGVSCSNPFYLDLMDLKEKMGMDGLIMSDYGTSTYEA 236
Db 1293 AS---SKRAGASFCATANGLNKGRKSCGNDLNNVLTQMGFGQWVMSDWLAT--PGTDAI 1348
Qy 237 VAGIDLEM-----PGRP--RRGETLKFVNSNGK--PLIHVIDQARVQLQVYK 282
Db 1349 TKGIDQEGVLELPGDVPKGEPSPEAKFFGEALKTAVLNGVPEAAVFRSARIVGOMEKF 1408
Qy 283 CAASGVTEGGETTVNNPTETALLRKVNGNGVILKKNENNVLDS--KKKKTLIVGPN 340
Db 1409 GILLATVPARE---KDAAGQANSRKVAENGAVLLNRGGALLPADAGKSIIVIGPTA 1465
Qy 341 KQATYHGGGSAALRAYVAVTPFDGLSKOLETPESTYTGATYTPPILIGECOLITDGAQGM 400
Db 1466 VDPKVTGLGSAHVVDSSAAAPLDITIKAR-----AGAGATVYETGEETFGTQIPAGN 1517
Qy 401 EKRVRNEEPPGRPNRQHIDLEFFTQKMDMLVVDYVHPRKADTVYVADMEGTGTADDECTYELG 460
Db 1518 LSPANOG-----HQLE--PGKRGALY--DGLITVPADGEYRIA 1552

```

```

Qy 461 LVVGKTKAVVDDOLVYDNNATKOYPCGDPAFGSARTRETCINLVKNTYKFKLEFGSADP 520
Db 1553 VRAGT---GATATOL-----GSHTEAGQVYGVK---SPLKLTKTG-THRL----- 1592
Qy 521 YTLKGDITIVPGHGLRVRGGCKVIDDOAEIKRSVALAKEHDQVITICAGLANDMETEGADRA 580
Db 1593 -TISGFASASTPLSLEIGWTVPPAADDATIKAVBSAKKATPAVFA---YDGTGVDPR 1648
Qy 581 SMKIPGVLDOLLIADVAANPNPTVVVMOTGPPEMPWIDATPAVIQAMVGCNENGNISADY 640
Db 1649 NLSLPGTODKRLISAVADANPNPTIVVLTNGTSSVSLMPWLSKTRAVLDWMYPCGAGAEATPAL 1708
Qy 641 VEGDYNPSGKLSLSPFRKLQDNPAFLNPRFAG-----RTLGEVYVGYRYEEF 690
Db 1709 LYGDVNPFGSKLTQSP-----PAAENOHAVAGPPTSPYCGVDNQOITYREGIHGYRNEFDK 1761
Qy 691 ADKDVNPFPGHGLSTTFPAFNSLSVSH-KDGKLSVLSVKNTGSSVPCGAQVAAQLYKFLQA 749
Db 1762 ENVKRLPFPGHGLSTSTFQSPAPFVTRFTSTGLKVTVTRNSGRAGQEVQAQYLAGSPN 1821
Qy 750 AKINRPVKELGFAVELQPRETKAVTEBEK-----YVAAYFDE 790
Db 1822 VTAPAKRKLGVYKTVKSIAAGAKVIVYVDRROLQGTSSADLRGSATVVMMSAET 1881
Qy 791 ERDQMCVEKGEYEVIVSSSAKDGVALRGKFTVG 825
Db 1882 PRVPLDLKAAVEELRAETDAAIARVLDGSRLLG 1916

RESULT 4
US-09-861-289-4
; Sequence 4, Application US/09861289
; Patent No. US20020110897A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Sherman, D. H.
; APPLICANT: Liu, H.
; APPLICANT: Xue, Y.
; APPLICANT: Zhao, L.
; TITLE OF INVENTION: DNA encoding methymycin and pikromycin
; FILE REFERENCE: 600.4380U1
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/861,289
; CURRENT FILING DATE: 2001-05-18
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/105,537
; PRIOR FILING DATE: 1998-06-26
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 43
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 3.0
; SEQ ID NO 4
; LENGTH: 3782
; TYPE: prt
; ORGANISM: Streptomyces venezuelae
US-09-861-289-4

Query Match 21.7%; Score 951.5; DB 10; Length 3782;
Best Local Similarity 31.4%; Pred. No. 7,3e-68;
Matches 275; Conservative 123; Mismatches 340; Indels 137; Gaps 25

Qy 9 ILKRLTAEKVVDLAGIDFW-----HTKALPKHGVPSLRFTDNGNGVAGTKFENG 58
Db 1121 LVAMOTIDEKISTV----HHALDPDQNGVILPGVPRLGIPELRADGNGCIR----LVG 1172
Qy 59 VPAACFCGCTSLGSTEKOTLLEERAGKMKKEALIAKSAHYILGTTIMQMSPLGCGFEESI 118
Db 1173 QTATALLPAPALASTPDDTMADSYGKVMGRDGRALNDQWVLGPMNNIRKVPBGGRNTEIF 1232
Qy 119 GEDPFLAGLGAALIRIGTSGVQATIKHPLKCDNDOEDRRMNVOSIYTERALREIYALPQ 178
Db 1233 SEDPLVSRRAVNOIKIGQAGLMTTKHPPAANNQENRRFSVANVANOECGLRIEFPARE 1292
Qy 179 IAVDSDPGA--FMTAYNGINGVSCSNPKYLLDQMLRKEMGNGLIMSDMYGYGYSTEA 236
Db 1293 AS--SKAGASFMCAVNGINGKSCCNDELNNVLTSTQMGFGQVWMSDLAT--PGTDAI 1348
Qy 237 VAGIDLEN-----PGPF--RFRGETLKFNVNSNGK--PFIHVIDQFAREVLOFVK 282

```


PRIOR FILING DATE: 1999-06-25
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/105,537
 PRIOR FILING DATE: 1998-06-26
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 53
 SEQ ID NO 24
 LENGTH: 809
 TYPE: PR
 ORGANISM: Streptomyces venezuelae
 US-09-988-384B-24

Query Match 21.5%; Score 944.5; DB 9; Length 809;
 Best Local Similarity 32.2%; Pred. No. 2,6e-68;
 Matches 275; Conservative 112; Mismatches 325; Indels 143; Gaps 26;

9 ILKLTIAEKVDLLAGIDFW-----HTKALPKHGVPSLRTDGPNGVGTKEFENG 58
 56 LVAQMTLDEKISFV---HMAIDPRQNVGYLPGVPLGIPERLRAADGPNGRIR---LVG 107
 59 VPACFCGCTSLGCTNQTLEAGKMKGEALAKSAHVILPTINMORSPGLGSGFESI 118
 108 QTATAPALPAPALASTFDDTMADSYGKMGDGRALNODMVLGPMNNIRVPHGRNRYET 167
 119 GEDPFLAGLGAALIRIGISTGVATIKHPLCNDQEDRRMVOISYTERALREIYALPQ 178
 168 SEDPLVSSRTAVAOIKIGIGAGLMTTAKHFAANNQENNRFSVANANDEQTLREIEPFAFE 227
 179 IAVDSOPGA--FMTAVNGINGVSCSENPXYLDGMLRKEMGMDGLIMSDMYGTYSTTEAV 236
 228 AS---SKAGASFWCAVNGNLGKSPCGNDELNNVLTQMGFGQWMSDMLAT--PGDAI 283
 237 VAGLDLEW-----PGPP-REFGETLKFVNSNGK-PEIHVIDQAREVLOFVK 282
 284 TKGIDQEMGVELPGDYVKGEPSPAKFEGEALKTAVLNGVPEAAVTRSAERIVGMEKF 343
 283 CAASGVTEGNETTNNPTETALLRKVNGEIVLLKNNVPLS--KKKTLIVGPN 340
 344 GLLATAPAPRPE---RDKAGAQAASRVKVAENGAVLLRNEQALPLADGAKSIAYIGPTA 400
 341 KQATYHGGSAALRAYAVPEPDLGSKOLETPSYVAGATTVPPILEGOLCPDPGAPM 400
 401 VDPKVTGLGSAHVPPDSAAALDTIKAR-----AGAGATVYETGETTGTQIPAGN 452
 401 RWRVNEPCTPNRQIHIDELFTKTDMLVDYVHPKAAATWYADMEGTYADEDCYTELG 460
 453 LSPAFNG-----HGLE--PKAGALY--DGLTLVPADGEYRIA 487
 461 LVVCGTAKAYVDOLVVDNATKOVPGDAFPGSATRETEGRINLVKNTYKFKIEFGSAPT 520
 488 VRATG---GYATVOL---GSHTEAGOVYGVKS--SPLKLKTKG--THKL----- 527
 521 YTLGDTIVPGHSLRVGGCKVIDDOAEIEKSVLAKHEQVITCAGLNDWETEGADRA 580
 528 -TISGPAKATPPLSLELGWVTPAAADATIAKAVESAKKARTAVFA---YDGTGEGVDRP 583
 581 SMKLPGLVDLIDVAAANPTVVVMQTGPPEMPWLDATPAVIAQWYGNENGTNSIADY 640
 584 NLSLPGTQDKLISAVADANPTIIVLVNTGSSVLMPLSKTRAVLDMWYPCQAGAEATLAL 643
 641 VFGDYNPGKSLSPFKRLQDNPAFLNFRTPAG-----RTLGEDEVYVYRYEYF 690
 644 LYGDVNPBGKLTQSF-----PAENQHAVAGDPTSPGVNDQOYTRREGIHGVNPFDK 696
 691 ADKDVNPFPGHSLVTFPAFNSLVSH-KDGKLSVLSVKNTGSSVPAQVLAOLVFKLOA 749
 697 ENKVPLEPFPGHSLVSTQSAFVIVRSTIGLKVIVTVNRSSKRAQOEYVQALIGASPN 756
 750 AKINPVELKGAFAVELQGETKAVTIEQEKYVAAYFDEERDQWCEVGEYEVIVSDS 809
 757 VTAQPAKKKLVGTVKVSILAAGEAKTVVNV-----DRQLOLTS 795
 810 SAKDGVALLRGKTY 824
 796 SSAD---LRGSATV 806

RESULT 7
 US-09-861-289-24
 Sequence 24, Application US/09861289
 Patent No. US20020110897A1
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Sherman, D.H.
 APPLICANT: Liu, H.
 APPLICANT: Xue, Y.
 APPLICANT: Zhao, L.
 TITLE OF INVENTION: DNA encoding methymycin and pikromycin
 FILE REFERENCE: 600,438US1
 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/861,289
 PRIOR FILING DATE: 2001-05-18
 PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/105,537
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 43
 SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 3.0
 SEQ ID NO 24
 LENGTH: 809
 TYPE: PR
 ORGANISM: Streptomyces venezuelae
 US-09-861-289-24

Query Match 21.5%; Score 944.5; DB 10; Length 809;
 Best Local Similarity 32.2%; Pred. No. 2,6e-68;
 Matches 275; Conservative 112; Mismatches 325; Indels 143; Gaps 26;

9 ILKLTIAEKVDLLAGIDFW-----HTKALPKHGVPSLRTDGPNGVGTKEFENG 58
 56 LVAQMTLDEKISFV---HMAIDPRQNVGYLPGVPLGIPERLRAADGPNGRIR---LVG 107
 59 VPACFCGCTSLGCTNQTLEAGKMKGEALAKSAHVILPTINMORSPGLGSGFESI 118
 108 QTATAPALPAPALASTFDDTMADSYGKMGDGRALNODMVLGPMNNIRVPHGRNRYET 167
 119 GEDPFLAGLGAALIRIGISTGVATIKHPLCNDQEDRRMVOISYTERALREIYALPQ 178
 168 SEDPLVSSRTAVAOIKIGIGAGLMTTAKHFAANNQENNRFSVANANDEQTLREIEPFAFE 227
 179 IAVDSOPGA--FMTAVNGINGVSCSENPXYLDGMLRKEMGMDGLIMSDMYGTYSTTEAV 236
 228 AS---SKAGASFWCAVNGNLGKSPCGNDELNNVLTQMGFGQWMSDMLAT--PGDAI 283
 237 VAGLDLEW-----PGPP-REFGETLKFVNSNGK-PEIHVIDQAREVLOFVK 282
 284 TKGIDQEMGVELPGDYVKGEPSPAKFEGEALKTAVLNGVPEAAVTRSAERIVGMEKF 343
 283 CAASGVTEGNETTNNPTETALLRKVNGEIVLLKNNVPLS--KKKTLIVGPN 340
 344 GLLATAPAPRPE---RDKAGAQAASRVKVAENGAVLLRNEQALPLADGAKSIAYIGPTA 400
 341 KQATYHGGSAALRAYAVPEPDLGSKOLETPSYVAGATTVPPILEGOLCPDPGAPM 400
 401 VDPKVTGLGSAHVPPDSAAALDTIKAR-----AGAGATVYETGETTGTQIPAGN 452
 401 RWRVNEPCTPNRQIHIDELFTKTDMLVDYVHPKAAATWYADMEGTYADEDCYTELG 460
 453 LSPAFNG-----HGLE--PKAGALY--DGLTLVPADGEYRIA 487
 461 LVVCGTAKAYVDOLVVDNATKOVPGDAFPGSATRETEGRINLVKNTYKFKIEFGSAPT 520
 488 VRATG---GYATVOL---GSHTEAGOVYGVKS--SPLKLKTKG--THKL----- 527
 521 YTLGDTIVPGHSLRVGGCKVIDDOAEIEKSVLAKHEQVITCAGLNDWETEGADRA 580
 528 -TISGPAKATPPLSLELGWVTPAAADATIAKAVESAKKARTAVFA---YDGTGEGVDRP 583
 581 SMKLPGLVDLIDVAAANPTVVVMQTGPPEMPWLDATPAVIAQWYGNENGTNSIADY 640
 584 NLSLPGTQDKLISAVADANPTIIVLVNTGSSVLMPLSKTRAVLDMWYPCQAGAEATLAL 643

[illegible]

Query Match:	3.5%;	Score 151.5;	DB 9;	Length 548;
Best Local Similarity	23.2%;	Pred. No. 0.00064;		
Matches	71;	Conservative	48;	Mismatches 132; Indels 55; Gaps 11.

QY	64	PPCSTSGSTFNFNTLLEEGKMKMGKEALAKSAHYLQPTTMMQNSPLGAGGFGESIGEDPP	123
DB	188	WPGLGLAALRLDLEMETEGTEAAEEMRAGVHKLYGYMAULASEPMSFNGTGFEDPP	247
QY	124	LAGGAALRLRGIO-----STGVQATIKHF-----LCNQOEDRRM---MVSIVTERALRE	171
DB	248	LISDYIAAVVRGQGGELSKNSVSTTIKHFGGGGRLLDGHDPHFHWGQTNIEYTFEDALGK	307
QY	172	ITALPQIARVDSQPCAFMTAF-----NGIN-----GVSCSEMPKTLDDG	211
DB	308	YHLPPEPQAL-DAGCASIMPYARPMNNSANQLDQQLMONEPTQFEEVAAYNRFTIQLD	366
QY	212	LRRKEMGDGLIMSDGVTSTTEAVVAGLLEMGVPRF-----RGETLKFVNSNGKPR	266
DB	367	LRODMGRGVNSD-----SGVIDAMMGVE-ELSEPERFAAVRAGDIFSDMANPRLL	421
QY	267	HVI-----DQARARVLOFVKKCAASGVTE-----GPEYTVNNTPEYTAALLRKYGNEG	314
DB	422	EVAAGHDESELNPQVORLLEIFQLGLFENPNVYSEDEAEKIIIGAEVSAIGNKAOIDS	481
QY	315	IYVLKN 320	
DB	482	VTLIRN 487	

RESULT 10
US-10-080-505-9
: Sequence 9, Application US/10080505
: Publication No. US20030073166A1
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: St. Geme, Joseph W.
: TITLE OF INVENTION: HADMOPIHUS ADHERENCE AND PENETRATION PROTEINS
: FILE REFERENCE: A-59941-1/RT/DCV/DHR
: CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/080, 505
: PRIOR FILING DATE: 2002-02-22
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/296, 791
: PRIOR FILING DATE: 1994-10-25
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/839, 996
: PRIOR FILING DATE: 2001-04-20
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 58

```

; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 9
; LENGTH: 1434
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Haemophilus influenzae
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (568)..(568)
; OTHER INFORMATION: The 'Xaa' at location 568 stands for Ser, Gly, Arg, or Cys.
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (1702)..(1702)
; OTHER INFORMATION: "n" at position 1702 can be any base.
US-10-080-505-9

```

```

Query Match      2.9%; Score 128; DB 9; Length 1434;
Best Local Similarity 20.1%; Pred. No. 0.22;
Matches 125; Conservative 75; Mismatches 243; Indels 180; Gaps 27;

```

```

QY 261 NKPPIHVIDARAEVLOFVKKCAASVTEGPEPT---VNTPEPALLRK----- 309
DB 476 SGRGTVOJLDDKQFDPTDFEYFGFRGRDLNGLSHLFEKRIQNTDEGAMIVHNHTTQVANI 535
QY 310 --VNGEGYLLKNNNVLPSSKKR-----TLIVPNAKQATYHGG 348
DB 536 TTGHESTAPSNKNNKLDYSKELAYNGWFXETDKKHNRLILYKPTTEDRTLLS 595
QY 349 GSAALRAYAVTPEDGLSKQLETPEPSYVGAATVPPILEGECCLTPDAPGKRMVNEP 408
DB 596 GGTNLKGDITQTKLFESGRPTPHAY-----NHLDRW---SEM 632
QY 409 PCGP-----NRQIDELFTKTDMLVDYHHPKADTWYADMEGTYTADE-- 454
DB 633 EGIPGELIWDYDWINRTKAEFOIKGSASVSRN-----VSSIEGNTVSNMNA 684
QY 455 -----CYEE--LGIVYCGTAKAYVDOLVDNATKOVPGDAFEGSATREETGR 500
DB 685 TEGVNPQNTICTRSDMTGLTTCKTVN--LIDKVIID--IPTTOINGSNLTDNAT 738
QY 501 INL-----YKGN--TYKFKIEFGSAPITYLKGDITYPGHSLVGGCKVIDD----- 545
DB 739 VNINGLAKINGVNTLLNHSQFTLSNNATQIGNKLSNHNANVNNATLMDGVNLA DTSRF 798
QY 546 -----QAEIKESVALKEHQVILICAGLNADWETEGADRASMKLPGLDOLLADVAANAN 601
DB 799 TISNQATQIGTISLHQQAQATVDNANLNGVHLTDSARFSLNSHSHQIQD-----KD 853
QY 602 TVVVMQGTPEEMWLDATPAVIQAMYGNETGNSIADYVFGDYNPSCGLSISPKRLD 661
DB 854 TVVLEENAT-----WTMPSDTLLQ-----NLTLNSTVTILNSAYSAS---SNNAPRRR- 899
QY 662 NPAPLFRFAGRTLYGEDVYVRYRYEPADKOVNPF--GHGLSYTTFAPSNLSVSHKDG 720
DB 900 -----SLEETETPT-----SABRENTLTVNCKLSGQ-----TFQFTSLSFETSD 941
QY 721 KLSVS-----LSVKNMGSVGACVADLYVPLQAKINREVKELKGA----- 763
DB 942 KKLKSNADBEDYLSVRNCKEP--VLEEQ--TLVESKDNKRLSPKLFLENDHVDAG 997
QY 764 ----KVELDPGETKAVT--IEQE 781
DB 998 ALRKLKVNKGFEFLHNPKEQE 1020

```

```

RESULT 11
US-09-738-626-6644
; Sequence 6644, Application US/09738626
; Publication No. US20020197605A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: MATSUGAWA, SATOSHI
; APPLICANT: MIZOGUCHI, HIROSHI
; APPLICANT: ANDO, SEIKO
; APPLICANT: HAYASHI, MIKIRO
; APPLICANT: OCHIAI, KEIKO

```

```

; APPLICANT: YOKOI, HARUHIKO
; APPLICANT: TATEISHI, NAOKO
; APPLICANT: SENOH, AKIHIRO
; APPLICANT: IKEDA, MASATO
; APPLICANT: OZAKI, AKIO
; TITLE OF INVENTION: NOVEL POLYNUCLEOTIDES
; FILE REFERENCE: 249-125
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/738,626
; PRIOR FILING DATE: 2000-12-18
; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 99/377484
; PRIOR FILING DATE: 1999-12-16
; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 00/159162
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 00/280988
; PRIOR FILING DATE: 2000-08-03
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 7059
; SOFTWARE: PatentIn ver. 3.0
; SEQ ID NO 6644
; LENGTH: 395
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Corynebacterium glutamicum
US-09-738-626-6644

```

```

Query Match      2.9%; Score 126.5; DB 9; Length 395;
Best Local Similarity 25.4%; Pred. No. 0.043;
Matches 51; Conservative 30; Mismatches 89; Indels 31; Gaps 7;

```

```

QY 64 PRCSTSGSPFNQTLLEPAGKMKGEAKISAHVILGPTIMORSPLGSGFESIGEDPF 123
DB 148 FPSPRVMAQMTPEQVEDLAEIITGLAHGVYVNFAPYVDVDMGLPVYGDNRFSMDPA 207
QY 124 LAGLGAALINGIGSTGVQATIKHFLCNDQEDRRMAYQSYTERALBEIYA--LPRQIA 180
DB 208 VAATYATPAFAKGLSKVITPVFKHFGHGRASGDSHTQDVTP--ALDELKTYDLIPYGA 266
QY 181 VRDSOPGAFMAYN-----GINGVSCSNP-----KYLDMKLRKEMCGDLI----- 222
DB 267 LSETD-GAVMVGHMIVPGLGIDGVPSSTIDPATYQLLSGDIYPGV-----PFDGVITDD 320
QY 223 ---MSDWGYSTTEAVVAGL 240
DB 321 LSGMSAISATSHPAEAVLASL 341

```

```

RESULT 12
US-10-043-487-383
; Sequence 383, Application US/10043487
; Publication No. US20030055220A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: HYBRIGENICS
; APPLICANT: PIERRE, IEGRAIN
; TITLE OF INVENTION: Protein-protein interactions between Shigella flexneri polypep
; FILE REFERENCE: B4778A
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/043,487
; PRIOR FILING DATE: 2002-04-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/261,130
; PRIOR FILING DATE: 2001-01-12
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 561
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 383
; LENGTH: 2609
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Shigella flexneri
US-10-043-487-383

```

```

Query Match      2.8%; Score 121.5; DB 9; Length 2609;
Best Local Similarity 18.5%; Pred. No. 1.9;
Matches 191; Conservative 120; Mismatches 345; Indels 379; Gaps 47;
QY 35 KHGVPSLRF--TDGPNGV-----RGTKEFNGVPAACPGGTSLSGSTENQTLLEBAG 83
DB 1439 KAGVAPLQYKVGKGLVEPVDVVDNADGTQVNVVPSHREGYTSIV----- 1485

```

QY 84 KMKREAIKSA-HVILGPTINMORSLGRCFESIGEDPFLAGLGAALIRIGOSTGVO 142
 Db 1486 -LYGDEEVRSPFKVKVLPFHDSKVKASG-----PLNTTGP 1523
 QY 143 ATKHFLCNOEDRRMMVOSTIVERALREIYALPFOIAVRDOPGAFMAYNGINGVCS 202
 Db 1524 ASLPEFTTAKDAGEGLAV-----OITPEGRKPKTHIODNDGTYVAV----- 1570
 QY 203 ENPKYLDGMLRKEMGMDGLMSDYGTYSTTEAVVAGLDLEMP-GPPRR-----GETLKF 257
 Db 1571 -----VPPVYGRY--TIIKIGGD-ELPPSPYRANAVPTGDSKSC 1607
 QY 258 NVS-----NG-----KPLHVIDORAREVLOFVKKCAASG-----VTENGEPT---TVN 298
 Db 1608 TVTVSIGHGLGAGIGPTIOIGEE---TVTVDTKAAGKGVKVCYCTPDGSGSVDDVVE 1664
 QY 299 NPETAAALKKVNNEG--TVLLKNENNVLPSSKKKTLLVGR-----AKQAT 344
 Db 1665 NEDGTDIFTAPQPGKYVCVRFGEHVPNSPFOVTALAGDOPSVQPLRSGQLAPQYT 1724
 QY 345 YHGGG-----AALRAYAVTPFDGLSKOLETPPSYTVGAVTVPPIL 387
 Db 1725 YAGGGOOTWAPERPLVGVGLDVTSLRPPDIVPF--TIKKEIIGEVAMPBGKVAQPTI 1782
 QY 388 GEGCLTPDAPGMRKRVENEPRETPRKHIDELFTKTDML-----VDY----- 432
 Db 1783 TD--NKDGTIVYRY-----APSEAGLHMDIRYDMHIMGSPLOFVYDVYVNGHYT 1831
 QY 433 -YHPRADTWYADMESTYTADEDCYEE--LGLVCGTAAYV----- 471
 Db 1832 AAGP-GLTHGVYVNRKATFIVNTRKDGEGSLAIEGSPSAELISCDNODGTSVSLPVL 1890
 QY 472 --DDOLVDNATKQVPGDAFFGSATREETGRINLVK-GNTYKFIIEGSAPTYTLKGTI 528
 Db 1891 PDYSILVYKNEOHVPGSPFARVATGDDSMRMSHLKVGSAADIPINI--SETDLSLTFATV 1949
 QY 529 VEGHG-----SLRVGCKYIDQAELEKSVALAKEHDQYITAGLNADMETGABRA 580
 Db 1950 VPPSGHEECLKRLRNHGVGISVPRKTEGHLVHKKNGOHV-----A 1993
 QY 581 SKLPGVLDOL--IADVAANPNTVVVMQGTPEEMPWLDATPAVIAQVYG----- 630
 Db 1994 SSPIVVISQSEIDGASRVYVSGGLHGHFEPAPFIIDRR--DAVYGLSLSIEGSP 2050
 QY 631 -----NETGNSIADVVFQDYNPSGK----- 650
 Db 2051 KVDINTEDLEDGTCVRYCTPEPBNYIINIKFADQHVPGSPFVYKTEGRRKESITRRR 2110
 QY 651 -----LSLSPK-RLDONPAFL--NFRTEAGRTLVGED----- 680
 Db 2111 RAPSVAANGSHDLSLKIPISIDMTAQVTSPSGKTHEAEIIVGENTHYCIRVPABMG 2170
 QY 681 ---VYVGRYRYEADKDVNF--PRGHLSYTTFA-----PS----- 711
 Db 2171 THTVSVTKGQHVPSPQFTVGLGEGAHKVRAGPGLERAGAVPAEHSINTREAGA 2230
 QY 712 -NLVS-----HMDKLSVLSKYNTG-----SVP 735
 Db 2231 GGLAIAVGPSPKAEISFEDRKDGSCGVAIVVQEPGDYEVSVKFNDEHLPDSFPVVPASP 2290
 QY 736 GAQVAVOLVVKPLOAA--KINRPVK--ELKGF-----AKVELQPG--ETKAVTIEDEOKY 783
 Db 2291 SGDAARLVSSLOSGLKLVNCPASVAVSLNKAAGAIKAKVHSPGALIECVTITIDOKY 2350
 QY 784 VAAVDEREDQVCE 798
 Db 2351 AVRFIPRENGVYLID 2365

Patent No. US20020102276A1
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: PEAK, IAN RICHARD ANSELM
 APPLICANT: JENNINGS, MICHAEL PAUL
 APPLICANT: MOXON, E. RICHARD
 TITLE OF INVENTION: NOVEL SURFACE ANTIGEN
 FILE REFERENCE: 065064/0134
 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/797,862
 CURRENT FILING DATE: 2001-05-03
 PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/AU98/01031
 PRIOR FILING DATE: 1998-12-14
 PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9726398.2
 PRIOR FILING DATE: 1997-12-12
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 33
 SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
 SEQ ID NO 33
 LENGTH: 2353
 TYPE: PRT
 ORGANISM: Haemophilus influenzae
 US-09-797-862-33

Query Match 2.88; Score 121; DB 10; Length 2353;
 Best Local Similarity 20.88; Pred. No. 1.8;
 Matches 138; Conservative 92; Mismatches 244; Indels 188; Gaps 35;

QY 190 MTAVNGINGVCSBNPKYLDGMLRKEMGMDGLMSDYGTYSTTEAVVAGLDLEMPGPR 249
 Db 1707 VTARNNGDGKRFVYASGLADLNKLSW-----TATAGKEGTEVDPAASAGQVAKGDKYT 1762
 QY 250 FR-GETLKFVNSGKRPPIHVIDORAREVLOFVKKCAASG-----VTE-----NGP 293
 Db 1763 FKADNLIKIKOS--CKDEFTYSLKELKDLTSVEFKDANGGSGSESTKITKGLITTPANG 1821
 QY 294 ETVNNTPEPFAALR--KVNNEGIVLLKNENNVLPSSK--KKTLLVGRPNKQATYHG 347
 Db 1822 GAAGANTANTISVTKDGLSAGKAV-----TVVSGLKFGGHTLANGTADVDFEKHYD 1875
 QY 348 GGSALRAYAVTPFDGLSKOLETPPSYTVGAVTVPPILGEOCLTPDAPGMRKRV-FN 406
 Db 1876 -----NAYKDLTGLD--EKGADNPNPTVADNFAATVGD-----RGLGWISAD 1916
 QY 407 EPGTPRKHIDELFTKTDMLVDYHPRKADTWYADMESTYTADEDCYELGLVYCGT 466
 Db 1917 KTTGEPNOETNAOV--RNAMEVKEKSGNGINVSCKTLNGTIV--TYFEL----- 1961
 QY 467 AKAVV--DDOLVDNATKQVPGDAFFGSATREETGRINLVK----- 505
 Db 1962 AKGEVVASNFEYKNAD-----GSET-----NLVYQDMYYSKEDIDPATSKPR 2005
 QY 506 -GNTYKFKIEFG-----SAPTYTLKGDITVPGH--GSLRVGCKV-IDDOAEIEK 551
 Db 2006 TGRTEKRYKVENGVVANSANGSKTEVTLLNKGSGYVGTGNQVADAIKAGFELGLADAEARK 2065
 QY 552 SVA-----LAKE-----HOVYIICAGLN--ADMETGAD-----RASK 583
 Db 2066 AFAPSAKOLSKDKETVNAHDKVPRANGLNKVAATVIESDANGDVTTTVEVTDVE 2125
 QY 584 LPGLVDLADVAANPNTVVVMQGTPEEMPWLDATPAVIAQVNGTGN--SIADYVF 642
 Db 2126 LP--LQIYV--TDANGNKLVKADG-----KMYELNADGTASKEVYL 2165
 QY 643 GDNVPSGKLSLSPKRLDONPAFLNRTAGRT--LYGEDYVYGRYEFADKDVNPEP 699
 Db 2166 GNVDAKGRVYKTEGADRKWYTTNADGADKTKGSEVSDKSTDEKHHVVRDLPN--NOSN 2224
 QY 700 GHGLSTTFEAFNSLVSHDKGLSVLSVKNMGSGVGAQVAVOLVVKPLOAAKINRPVKEL 759
 Db 2225 GKGVVIDNVA-----NGEISAT--STDALNG--SOLIVAKGVTVMLAGOVNVL 2268
 QY 760 KG 761
 Db 2269 EG 2270

RESULT 14
 US-09-869-877-6
 ; Sequence 6, Application US/09869877
 ; Publication No. US20020192792A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Schneider, Palle
 ; APPLICANT: Danielson, Steffen
 ; APPLICANT: Svendsen, Allan
 ; TITLE OF INVENTION: Laccase Mutants
 ; FILE REFERENCE: 10179.204-US
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/869,877
 ; CURRENT FILING DATE: 2001-07-06
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 10
 ; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
 ; SEQ ID NO 6
 ; LENGTH: 599
 ; TYPE: PRT
 ; ORGANISM: Rhizoctonia solani
 ; US-09-869-877-6

Query Match 2.7%; Score 118.5; DB 9; Length 599;
 Best Local Similarity 20.9%; Pred. No. 0.36;
 Matches 122; Conservative 75; Mismatches 223; Indels 163; Gaps 29;

QY 257 FVNSNGKPEFTHVIDORAREVLOFVKKCAASGVTEGPEPTVNTPTAALLRKVNEGIV 316
 DB 26 FVANG-----AVAPDGVTRN-----AVLVNGRPPGL 53
 QY 317 LKNNENVLPKSKKKTLVGNPAKQAT--YHGGSALRAYAVTPDDGSKOLETPP 373
 DB 54 ITANKGDTLKITVRNK--LSDEPTMRSTTIHMG--LLQHTAEDEGPAFYTCPIPP 107
 QY 374 --SYTGAVTTPPILGEOC-----LTPDAGRMWRVFNPPGTPNRQHIDLEFT 423
 DB 108 QESTY---TMP--LGEQGTWYHSHLSQYVDGLRGPVIYDPHDPYRNYD--VDDE 160
 QY 424 KTDMLVDYHPRKADTWYADMEGTATDECTYELGLVVCSTAKAYVDDQLVYDQATKQ 483
 DB 161 RTVETLADWH-----TPSEALITHVLTIPDSGTINKGKY 199
 QY 484 VPGDAFEGSATRETEGRINLVKNTYKKEIEFGSAPTYLKGDTIVPGHSLRVGCKYI 543
 DB 200 DPASANTNTTLENTLYLVKRGKRYRLRIINASAIASFRFG--VQGH-----KCTII 250
 QY 544 DDQAEIKSVALKEHQVITICAG-----LNDWETEGADRASKMLPGVLDQLIADYAA 597
 DB 251 EADGVLTKEPI---EVDADILAGQRYSCILKAD--QDPDSYWINAP-----ITNVLN 297
 QY 598 ANPTVYVMQTG--TPPEMPW-----LDATPAVIOAM-----YGNNEG- 634
 DB 298 TNYQALLVEYEDDKRPTHYKPKPFLTWKISNEIIOYQKHGSHGKHGHHKVRAGIV 357
 QY 635 NSIADVFGDYNPSGKISLSPKRLQDNPAFLNFR--TEAGRTLYGEDVYV----- 683
 DB 358 SGLSSRYKSRASDLSKKAVALAALVAGEAELDKRQNEDNSITVLDETKLIPLVPGAPG 417
 QY 684 GYRYEEADVDVNFPEGHGSIYTT--FAFSNLVSXHD-----CKLSVS--LSV 728
 DB 418 GSR-----PADVYVPLDGFNFANGMLMTINNVSISPPDVTLLKILITDKDKVASDPTAD 472
 QY 729 KNTSGVPAQVQVLAOLYKPLQAKINRPVKEIKGFAKVELQDGE 771
 DB 473 EHTYILPKNQVVELHNG--QALGIVHPL--HLHGHAIDPVVQFGD 513

RESULT 15
 US-09-732-350-6
 ; Sequence 6, Application US/09732350
 ; Patent No. US20010031490A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Svendsen, Allan
 ; APPLICANT: Xu, Feng

TITLE OF INVENTION: LACCASE MUTANTS
 NUMBER OF SEQUENCES: 10
 CORRESPONDENCE ADDRESS:
 ADDRESSEE: No. US20010031490A10 No. US20010031490A1disk of No. US20010031490A
 STREET: 405 Lexington Avenue
 CITY: New York
 STATE: NY
 COUNTRY: USA
 ZIP: 10174
 COMPUTER READABLE FORM:
 MEDIUM TYPE: Diskette
 COMPUTER: IBM Compatible
 OPERATING SYSTEM: DOS
 SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 2.0
 CURRENT APPLICATION DATA:
 APPLICATION NUMBER: US/09/732,350
 FILING DATE:
 CLASSIFICATION:
 PRIOR APPLICATION DATA:
 APPLICATION NUMBER: 09/032,315
 FILING DATE:
 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
 NAME: Rozek, Carol
 REGISTRATION NUMBER: 36,993
 REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5200.200-US
 TELEPHONE: 212-867-0123
 TELEFAX: 212-878-9655
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 6:
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 LENGTH: 599 amino acids
 TYPE: amino acid
 STRANDEDNESS: single
 TOPOLOGY: linear
 MOLECULE TYPE: protein
 US-09-732-350-6

Query Match 2.7%; Score 118.5; DB 10; Length 599;
 Best Local Similarity 20.9%; Pred. No. 0.36;
 Matches 122; Conservative 75; Mismatches 223; Indels 163; Gaps 29;

QY 257 FVNSNGKPEFTHVIDORAREVLOFVKKCAASGVTEGPEPTVNTPTAALLRKVNEGIV 316
 DB 26 FVANG-----AVAPDGVTRN-----AVLVNGRPPGL 53
 QY 317 LKNNENVLPKSKKKTLVGNPAKQAT--YHGGSALRAYAVTPDDGSKOLETPP 373
 DB 54 ITANKGDTLKITVRNK--LSDEPTMRSTTIHMG--LLQHTAEDEGPAFYTCPIPP 107
 QY 374 --SYTGAVTTPPILGEOC-----LTPDAGRMWRVFNPPGTPNRQHIDLEFT 423
 DB 108 QESTY---TMP--LGEQGTWYHSHLSQYVDGLRGPVIYDPHDPYRNYD--VDDE 160
 QY 424 KTDMLVDYHPRKADTWYADMEGTATDECTYELGLVVCSTAKAYVDDQLVYDQATKQ 483
 DB 161 RTVETLADWH-----TPSEALITHVLTIPDSGTINKGKY 199
 QY 484 VPGDAFEGSATRETEGRINLVKNTYKKEIEFGSAPTYLKGDTIVPGHSLRVGCKYI 543
 DB 200 DPASANTNTTLENTLYLVKRGKRYRLRIINASAIASFRFG--VQGH-----KCTII 250
 QY 544 DDQAEIKSVALKEHQVITICAG-----LNDWETEGADRASKMLPGVLDQLIADYAA 597
 DB 251 EADGVLTKEPI---EVDADILAGQRYSCILKAD--QDPDSYWINAP-----ITNVLN 297
 QY 598 ANPTVYVMQTG--TPPEMPW-----LDATPAVIOAM-----YGNNEG- 634
 DB 298 TNYQALLVEYEDDKRPTHYKPKPFLTWKISNEIIOYQKHGSHGKHGHHKVRAGIV 357
 QY 635 NSIADVFGDYNPSGKISLSPKRLQDNPAFLNFR--TEAGRTLYGEDVYV----- 683
 DB 358 SGLSSRYKSRASDLSKKAVALAALVAGEAELDKRQNEDNSITVLDETKLIPLVPGAPG 417

[illegible]

Search completed: April 26, 2003, 13:07:00
Job time : 37 secs